

PROFIL SEKUEN GEN *MATK*, *rbcL*, dan *trnL* MORACEAE

Apta Adi Wahyu¹, Seagames Waluyo², Agus Muji Santoso^{1,3*}

¹Prodi Pendidikan Biologi,
Universitas Nusantara PGRI Kediri
²Application Scientist, PT
Sciencewerke
³Kelompok Studi Biodiversitas,
Universitas Nusantara PGRI Kediri

*e-mail korespondensi:

aptaadiwahyu@gmail.com

games.agro@gmail.com

*agusmujijsantoso@unpkediri.ac.id

Abstrak. Penanda molekuler menjadi salah satu kajian strategis dalam pemuliaan dan konservasi tanaman. Kelompok tanaman Moraceae memiliki potensi yang cukup luas dalam bidang sumber pangan, obat, hias, dan ekologi. Ketersediaan data base sekuen materi genetik juga menjadi salah satu pertimbangan dalam menunjang keberhasilan eksplorasi penanda molekuler tanaman Moraceae. Penelitian ini bertujuan untuk mendeskripsikan profil sekuen gen *MatK*, *rbcL*, dan *trnL* kelompok Moraceae. Penelitian ini dilakukan dengan mengunduh informasi sekuen gen melalui laman NCBI. Data berupa nama ilmiah tanaman, identitas gen, panjang sekuen, dan lokus gen ditabulasi dan dianalisis secara deskriptif. Penelitian ini mengungkapkan bahwa terdapat 30 data base sekuen gen *MatK*, *rbcL*, dan *trnL* secara berurutan memiliki panjang bervariasi yaitu 1428 bp, 1518 bp, dan 81 bp.

Kata kunci: Moraceae, *matK*, *rbcL*, *trnL*

Abstract. Molecular markers are one of the strategic studies in plant breeding and conservation. The Moraceae plant group has quite broad potential in the fields of food, medicinal, ornamental and ecological sources. The availability of a database of genetic material sequences is also a consideration in supporting the successful exploration of molecular markers for Moraceae plants. This study aims to describe the sequence profile of the *MatK*, *rbcL* and *trnL* genes of the Moraceae group. This research was carried out by downloading gene sequence information via the NCBI website. Data in the form of scientific names of plants, gene identities, sequence lengths and gene loci were tabulated and analyzed descriptively. This research revealed that there are 30 *MatK*, *rbcL*, and *trnL* gene sequence databases with varying lengths, namely 1428 bp, 1518 bp, and 81 bp.

Key Words: Moraceae, *matK*, *rbcL*, *trnL*

PENDAHULUAN

Tahun 1980-an merupakan zaman pengembangan penanda molekuler sebagai aplikasi dalam penelitian genom tanaman. Satu dekade berikutnya diikuti oleh pengembangan penanda DNA berbasis PCR. Berawal dari hal tersebut maka banyak peneliti mengaplikasikan penanda molekuler sebagai bentuk laporan ataupun penelitian

pada aspek genomik dan pemuliaan tanaman (Nadeem *et al.*, 2018). Oleh karena itu, penanda molekuler merupakan alat yang sangat berguna sehingga banyak dimanfaatkan untuk penelitian pada tanaman (Collard *et al.*, 2005).

Pemuliaan dan konservasi tanaman perlu dilakukan dengan memanfaatkan potensi keanekaragaman tanaman (Njurumana *et al.*, 2014). Hal ini diharapkan

agar keanekaragaman hayati termasuk tanaman dapat terjaga. Pendayagunaan secara berlebihan terhadap tanaman menyebabkan populasi tanaman mengalami penurunan yang berdampak langsung pada keragaman genetik. Masalah tersebut menyebabkan kerugian saat melakukan program pemuliaan dan konservasi tanaman. Perlunya strategi dalam melakukan pemuliaan dan konservasi tanaman dengan memperhatikan informasi keragaman genetik. Dalam pemuliaan dan konservasi tanaman dibutuhkan penanda molekuler sebagai informasi yang valid. Akurasi yang diberikan penanda molekuler dalam melakukan analisis terhadap keragaman genetik tanaman adalah salah satu keunggulan yang dimiliki (Sulistiyawati, 2017).

Protein maturase K, yang diproduksi oleh gen kloroplas *matK* dan penting untuk penyambungan intron kelompok IIA secara rapi. Karena tingkat keberhasilan amplifikasi yang tinggi dan sebagian besar sifatnya yang dilestarikan, *MatK* sering digunakan sebagai kode batang DNA dalam penelitian filogenetik dan identifikasi tanaman (Zeng *et al.*, 2022). Mengidentifikasi tanaman menggunakan kode batang DNA, Bersama dengan *matK* dan *trnH-psbA*, dua gen kloroplas lainnya, gen *rbcL* adalah salah satu kode batang DNA yang digunakan untuk mengidentifikasi tanaman (Nurhasanah *et al.*, 2019). *rbcL* Ini dapat digunakan untuk mengidentifikasi banyak spesies tumbuhan karena universalitas dan kesederhanaannya dalam amplifikasi dan analisis. Pada tumbuhan, gen *trnL* adalah komponen genom kloroplas dan penting untuk produksi molekul transfer RNA (tRNA). Karena struktur sekunder dan bagian variabelnya

yang dilestarikan, ia sering digunakan dalam pengkodean batang DNA dan penyelidikan filogenetik dan terletak di area salinan tunggal yang substansial dari genom kloroplas (Won & Renner, 2005).

Kelompok tanaman *Moraceae* memiliki potensi yang cukup luas di bidang sumber pangan, obat, hias, dan ekologi. Penanda molekuler banyak digunakan oleh para peneliti sebagai alat bantu dalam melakukan seleksi tanaman. Hal ini disebabkan penanda molekuler dapat menyeleksi tanaman pada sifat genetik tanpa adanya faktor lingkungan yang mempengaruhi (Azrai, 2005). Oleh karena itu, dibutuhkan database yang dapat menunjang keberhasilan eksplorasi penanda molekuler. Tujuan dari penelitian ini untuk mendeskripsikan profil sekuen gen *MatK*, *rbcL*, dan *trnL* kelompok *Moraceae*.

BAHAN DAN METODE

Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif. Penelitian ini dilakukan dengan mengunduh informasi sekuen gen pada *data base* di laman NCBI <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> berupa nama ilmiah tanaman, identitas gen, panjang sekuen, dan lokus gen yang ditabulasi dalam bentuk tabel.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Berdasarkan informasi yang diperoleh bahwa terdapat 30 *data base* sekuen gen *MatK*, *rbcL*, dan *trnL* secara berurutan yang memiliki panjang bervariasi. Tiga puluh *data base* yang diperoleh tersebut dapat dilihat pada Tabel 1, Tabel 2, dan Tabel 3.

Tabel 1. *Data Base* Sekuen Gen *rbcL*
Sekuen Gen *rbcL*

Nama Tanaman	ID Gen	PanjangSekuen	Lokus
<i>Morus notabilis</i>	24286634	1428 bpDNA	NC_027110

<i>Morus indica</i>	4290674	1428 bpDNA	NC_008359
<i>Morus celtidifolia</i>	54620481	1428 bpDNA	NC_047236
<i>Morus serrata</i>	71936237	1428 bpDNA	NC_062795
<i>Morus alba</i>	67146086	1428 bpDNA	NC_057087
<i>Morus cathayana</i>	30217667	1428 bpDNA	NC_031822
<i>Morus mongolica</i>	22283629	1428 bpDNA	NC_025772
<i>Morus macroura</i>	77666075	1428 bpDNA	NC_070239
<i>Morus wittiorum</i>	77665948	1428 bpDNA	NC_070238
<i>Morus rubra</i>	77665688	1428 bpDNA	NC_070233

Tabel 2. Data Base Sekuen Gen *MatK*
Sekuen Gen *MatK*

Nama Tanaman	ID Gen	Panjang Sekuen	Lokus
<i>Morus notabilis</i>	<u>24286706</u>	<u>1518 bp DNA</u>	<u>NC_027110</u>
<i>Morus indica</i>	<u>4290558</u>	<u>1518 bp DNA</u>	<u>NC_008359</u>
<i>Morus celtidifolia</i>	<u>54620438</u>	<u>1518 bp DNA</u>	<u>NC_047236</u>
<i>Morus serrata</i>	<u>71936349</u>	<u>1518 bp DNA</u>	<u>NC_062795</u>
<i>Morus alba</i>	<u>67146041</u>	<u>1518 bp DNA</u>	<u>NC_057087</u>
<i>Morus cathayana</i>	<u>30217619</u>	<u>1518 bp DNA</u>	<u>NC_031822</u>
<i>Morus mongolica</i>	<u>22283701</u>	<u>1518 bp DNA</u>	<u>NC_025772</u>
<i>Morus macroura</i>	<u>77666076</u>	<u>1518 bp DNA</u>	<u>NC_070239</u>
<i>Morus wittiorum</i>	<u>77665949</u>	<u>1518 bp DNA</u>	<u>NC_070238</u>
<i>Morus rubra</i>	<u>77665689</u>	<u>1518 bp DNA</u>	<u>NC_070233</u>

Tabel 3. Data Base Sekuen Gen *trnL*
Sekuen Gen *trnL*

Nama Tanaman	ID Gen	Panjang Sekuen	Lokus
<i>Morus notabilis</i>	24286672	81 bp DNA	NC_027110
<i>Morus celtidifolia</i>	54620520	81 bp DNA	NC_047236
<i>Morus serrata</i>	71936286	81 bp DNA	NC_062795
<i>Morus alba</i>	67146125	81 bp DNA	NC_057087
<i>Morus cathayana</i>	30217706	81 bp DNA	NC_031822
<i>Morus mongolica</i>	22835477	81 bp DNA	NC_025772
<i>Morus macroura</i>	77666129	81 bp DNA	NC_070239
<i>Morus wittiorum</i>	77666002	81 bp DNA	NC_070238
<i>Morus rubra</i>	77665742	81 bp DNA	NC_070233

Berdasarkan Tabel.1 data genom dari genus *Morus* memiliki panjang sekuen 1428 bp. Data tersebut berasal dari informasi sekuen gen *rbcL* dan memiliki panjang sekuen yang diisolasi dari DNA. Panjang sekuen terbilang sama dari 10 jenis tanaman dari genus *Morus* dari sekuen gen *rbcL*. Pada Tabel.2 sekuen gen *MatK* menginformasikan

bahwa panjang sekuen berdasarkan data genom dari genus *Morus* yang diisolasi DNA memiliki panjang 1518 bp. Panjang sekuen yang didapatkan terbilang sama dari 10 jenis tanaman dari genus *Morus* dari sekuen gen *MatK*. Pada Tabel.3 sekuen gen *trnL* menginformasikan panjang sekuen berdasarkan data genom dari genus *Morus*

didapatkan 81 bp yang diisolasi dari DNA. Pasangan basa dari 10 tanaman yang diperoleh berdasarkan informasi sekuen gen *trnL* terbilang sama panjang. Panjang sekuen yang sama disebabkan primer yang digunakan adalah sama. Hal tersebut menandakan bahwa penempelan primer pada DNA dimungkinkan terdapat pada tempat yang sama. Akan tetapi pasangan basa yang dikode oleh setiap sekuen gen memiliki panjang sekuen yang berbeda. Sekuen gen *rbcL*, *MatK*, dan *trnL* menyebabkan panjang sekuens yang bervariasi. Hal ini dapat dilihat dari genus *Morus* yang dikode oleh ketiga sekuen gen diatas.

Pada *Morus alba* (murbei putih), gen *matK* memiliki panjang sekitar 1500 pasangan basa (Barthet & Hilu, 2007; Hilu & Barthet, 2008). Dengan kombinasi khas antara tingkat substitusi yang tinggi dan metode evolusi, gen *matK* mengkode protein yang dianggap berfungsi sebagai intron maturase kelompok II dan telah menjadi sumber sinyal filogenetik penting dalam menyelesaikan hubungan pada tumbuhan (Barthet & Hilu, 2007). Panjang gen *rbcL* pada *Morus alba* (murbei putih) sekitar 1428 pasangan basa. Hasil yang tersedia saat ini tidak menyebutkan urutan pasangan basa yang tepat dari gen *rbcL* pada *Morus alba*. Namun, secara teratur dilaporkan bahwa gen tersebut memiliki panjang 1428 pasangan basa (Ain & Sufian, 2023). Panjang gen *trnL* pada *Morus alba* (murbei putih) kira-kira 81 pasangan basa. Sintesis molekul transfer RNA (tRNA) difasilitasi oleh gen ini, yang merupakan komponen genom kloroplas (Živanović *et al.*, 2012).

SIMPULAN

Terdapat 30 data base gen dari genus *Morus* yang didapatkan dari informasi sekuen gen *rbcL*, *MatK*, dan *trnL*. Ada 10 data base yang diperoleh dari masing-masing sekuen gen. Sekuen gen *rbcL* menginformasikan panjang basa genom yang diisolasi DNA pada

genus *Morus* adalah 1428 bp. Sekuen *MatK* panjang basa yang didapatkan adalah 1518 bp. Sedangkan untuk sekuen gen *trnL* didapatkan 81 bp. Sama atau bervariasi panjang sekuen tergantung dari sekuen gen yang digunakan untuk mengkode tanaman.

DAFTAR PUSTAKA

- Ain, S. S., & Sufian, M. (2023). *DNA Barcode for Phylogenetic Analysis of Genus Morus Species from Azad Jamu and Kashmir*. 55(6), 2211–2220.
- Azrai, M. (2005). Pemanfaatan markah molekuler dalam proses seleksi pemuliaan tanaman. *Jurnal AgroBiogen*, 1(1), 26–37.
- Barthet, M. M., & Hilu, K. W. (2007). Expression of *matK*: Functional and evolutionary implications. *American Journal of Botany*, 94(8), 1402–1412. <https://doi.org/10.3732/ajb.94.8.1402>.
- Collard, B. C. Y., Jahufer, Z., Chi, E., & Pang, K. (2005). *An introduction to markers , quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement : The basic concepts An introduction to markers , quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improv. January*. <https://doi.org/10.1007/s10681-005-1681-5>.
- Hilu, K. W., & Barthet, M. M. (2008). Mode and tempo of *matK*: Gene evolution and phylogenetic implications. *Evolutionary Biology from Concept to Application*, 165–179. https://doi.org/10.1007/978-3-540-78993-2_10.
- Nadeem, M. A., Nawaz, M. A., Qasim, M., Doğan, Y., Comertpay, G., Yıldız, M., Hatipoğlu, R., Ahmad, F., Alsaleh, A., Labhane, N., Özkan, H., Chung, G., Azhar, M., Nawaz, M. A., Shahid, Q., Doğan, Y., Comertpay, G., Yıldız, M., Hatipoğlu, R., Baloch, F. S. (2018).

- DNA molecular markers in plant breeding : current status and recent advancements in genomic selection and genome editing.* 2818. <https://doi.org/10.1080/13102818.2017.1400401>.
- Nurhasanah, Sundari, & Papuangan, N. (2019). Amplification and Analysis of Rbcl Gene (Ribulose-1,5-Bisphosphate Carboxylase) of Clove in Ternate Island. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 276(1), 0–7. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/276/1/012061>.
- Njurumana, G. N., Marsono, D., Ronggo Sadono, dan, Doktor Ilmu Kehutanan, P., Kehutanan UGM, F., Penelitian Kehutanan Kupang, B., & Untung Suropati No, J. (2014). Konservasi keanekaragaman hayati tanaman pada Sistem kaliwu di pulau sumba (Plant Biodiversity Conservation on Kaliwu System at Sumba Island). *Maret*, 21(1), 75–82.
- Sulistiyawati, P. (2017). *Keragaman Genetik Populasi Kayu Merah (Pterocarpus indicus Willd) menggunakan penanda random amplified Polymorphism DNA Genetic diversity in Kayu merah (Pterocarpus indicus Willd) populations using random amplified polymorphism DNA marker.* 11(1), 67–76.
- Won, H., & Renner, S. S. (2005). The chloroplast trnT-trnF region in the seed plant lineage Gnetales. *Journal of Molecular Evolution*, 61(4), 425–436. <https://doi.org/10.1007/s00239-004-0240-3>.
- Zeng, Q., Chen, M., Wang, S., Xu, X., Li, T., Xiang, Z., & He, N. (2022). Comparative and phylogenetic analyses of the chloroplast genome reveal the taxonomy of the Morus genus. *Frontiers in Plant Science*, 13(November), 1–12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1047592>
- Živanović, I., Vuković, D., Dakić, I., Stefanović, G., Savić, B., Zhao, Y. L. Y., Li, G., Sun, C., Li, C., Wang, X. X., Liu, H., Zhang, P., Zhao, X., Wang, X. X., Jiang, Y., Yang, R., Wan, K., Zhou, L., Zhang, S.-L. S., ... Ameni, G. (2012). Genotypic characterization of multi-drug-resistant Mycobacterium tuberculosis isolates in Myanmar. *Journal of Clinical Microbiology*, 9(1), 1–9. <http://openurl.ingenta.com/content/xref?genre=article&issn=1027-3719&volume=18&issue=8&spage=946> <http://openurl.ingenta.com/content/xref?genre=article&issn=2220-8372&volume=3&issue=2&spage=160> <http://jcm.asm.org/cgi/doi/10.1128/JCM.00691-07>